北京林业大学学报
JOURNAL OF BEIJING FORESTRY UNIVERSITY

蚂蚁筑巢对纳帕海湿地面山森林土壤CO_2排放的影响

纪柏帆 陆梅 王明柳 黄敏超 任玉连 孙煜佳 屈婧 曹舒涵 杨宗涛

Effects of ant nesting on soil CO_2 emissions in the montane slope forests bordering Napahai Wetland, Yunnan Province of southwestern China

Ji Bofan, Lu Mei, Wang Mingliu, Huang Minchao, Ren Yulian, Sun Yujia, Qu Jing, Cao Shuhan, Yang Zongtao

引用本文:
纪柏帆, 陆梅, 王明柳, 黄敏超, 任玉连, 孙煜佳, 屈婧, 曹舒涵, 杨宗涛. 蚂蚁筑巢对纳帕海湿地面山森林土壤CO_2排放的影响[J]. 北京林业大学学报, 2026, 48(8):80–95. doi: 10.12171/j.1000–1522.20260170
Ji Bofan, Lu Mei, Wang Mingliu, Huang Minchao, Ren Yulian, Sun Yujia, Qu Jing, Cao Shuhan, Yang Zongtao. Effects of ant nesting on soil CO_2 emissions in the montane slope forests bordering Napahai Wetland, Yunnan Province of southwestern China[J]. Journal of Beijing Forestry University, 2026, 48(8):80–95. doi: 10.12171/j.1000–1522.20260170

在线阅读 View online: https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20260170

您可能感兴趣的其他文章
Articles you may be interested in

蚂蚁筑巢对纳帕海面山土壤碳积累及分配的影响
Effects of ant colonization on carbon accumulation and distribution in the forests of neighbouring mountains in the Napahai Wetlands, Yunnan Province of southwestern China
北京林业大学学报, 2024, 46(5): 114–125. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20220507

戴云山南坡不同海拔森林土壤优势细菌群落特征及影响因素
Characteristics and its influencing factors of forest soil dominant bacterial community in different elevations on the southern slope of Daiyun Mountain, Fujian Province of eastern China
北京林业大学学报, 2022, 44(7): 107–116. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20200278

西藏高原不同树龄核桃林土壤细菌多样性及其影响因素分析
Soil bacterial diversity and its influencing factors of walnut forests with different stand ages in Xizang Plateau of northwestern China
北京林业大学学报, 2023, 45(11): 100–109. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20230051

不同林龄桉树人工林土壤细菌群落结构与功能多样性变化特征
Characteristics of changes in soil bacterial community structure and functional diversity in *Eucalyptus* sp. plantation of different ages
北京林业大学学报, 2024, 46(12): 41–52. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20240199

林下植被和凋落物对我国寒温带天然林土壤CO_2通量的短期影响
Short-term effects of understory vegetation and litter on soil CO_2 flux of natural forests in cold temperate zone of China
北京林业大学学报, 2021, 43(3): 55–65. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20200249

色季拉山急尖长苞冷杉林不同层次土壤CO_2浓度及温湿度响应
Response of soil CO_2 concentration at different depths of *Abies georgei* var. *smithii* forest to soil temperature and water content on Sejila Mountain, Tibet of southwestern China

北京林业大学学报, 2023, 45(2): 1−10. https://doi.org/10.12171/j.1000−1522.20220222

DOI:10.12171/j.1000−1522.20260170

蚂蚁筑巢对纳帕海湿地面山森林土壤 CO_2 排放的影响

纪柏帆[1] 陆 梅[1] 王明柳[2] 黄敏超[2] 任玉连[2] 孙煜佳[2]
屈 婧[1] 曹舒涵[1] 杨宗涛[3]
（1. 西南林业大学水土保持学院，云南 昆明 650224；2. 西南林业大学生态与环境学院（湿地学院），云南 昆明 650224；
3. 纳帕海省级自然保护区管护局，云南 迪庆 674400）

摘要:【目的】目前，蚂蚁筑巢对湿地面山森林土壤 CO_2 排放动态的影响及其过程及机制仍存在较大不确定性。本研究旨在探明蚂蚁筑巢活动调控纳帕海面山森林土壤 CO_2 排放通量的关键路径与驱动机制。**【方法】**以纳帕海面山云杉–冷杉林中满洲凹头蚁为研究对象，设置蚁巢与非蚁巢两种处理，采用 Li–6400–09 土壤呼吸仪及高通量测序技术分别测定土壤 CO_2 排放通量及细菌群落的干湿季变化特征，并运用相关分析和结构方程模型解析蚁巢土壤 CO_2 排放变化的主要驱动因子和调控路径。**【结果】**(1)蚂蚁筑巢显著促进了土壤 CO_2 排放($p < 0.05$)，且呈现明显的干湿季差异，干季蚁巢排放通量较非蚁巢增幅达 37.0%，湿季增幅为 22.0%。(2)蚂蚁筑巢显著提升了变形菌门的相对丰度(年均增幅为 58.8% ~ 96.3%)，显著增加了土壤有机质、全氮、有效磷、有效钾、铵态氮、硝态氮含量和 pH 值(年均增幅为 9.0% ~ 635.0%)；同时显著抑制了酸杆菌门相对丰度(年均降幅为 12.9% ~ 29.6%)，并显著降低了细菌 ACE 和 Chao1 指数、土壤容重和含水量(年均降幅分别为 34.7% ~ 42.8%)。(3)干季，蚁巢 CO_2 排放通量与土壤碳氮等养分及变形菌门相对丰度呈显著正相关，与容重、含水量显著呈负相关；湿季，蚁巢 CO_2 排放通量与土壤温度、碳氮等养分及变形菌门相对丰度呈显著正相关，与容重、含水量、细菌 ACE 和 Chao1 指数、酸杆菌门和放线菌门相对丰度呈显著负相关。(4) 结构方程模型结果表明，蚂蚁筑巢对土壤 CO_2 排放通量的影响在干、湿季间差异显著。干季，蚂蚁筑巢主要通过调控土壤容重、氮素养分和变形菌门来影响碳排放。其中变形菌门相对丰度对碳排放具有显著的正向直接效应，而土壤含水量、温度和氮素养分则通过影响变形菌门间接发挥作用。湿季，蚂蚁筑巢的调控路径更为复杂：细菌 α 多样性对碳排放呈现显著的直接负向效应，细菌优势门(变形菌门和酸杆菌门)则表现为正向直接效应；同时，土壤容重、温度和氮磷养分通过影响细菌群落间接调控碳排放。**【结论】**蚂蚁筑巢显著促进了纳帕海面山森林土壤 CO_2 排放，且干季增幅(37.0%)高于湿季(22.0%)；其作用路径在干湿季存在显著差异：干季以变形菌门的直接正向效应为主，湿季以变形菌门和酸杆菌门的正向效应为主，但增加了细菌 α 多样性的直接负向调控，土壤理化环境因子主要通过影响细菌群落间接发挥作用。

关键词：蚂蚁；土壤 CO_2 排放；面山森林；细菌丰富度；细菌组成；土壤理化性质
中图分类号：S714 **文献标志码：**A **文章编号：**1000−1522(2026)08−0080−16
引文格式：纪柏帆，陆梅，王明柳，等. 蚂蚁筑巢对纳帕海湿地面山森林土壤 CO_2 排放的影响 [J]. 北京林业大学学报，2026，48(8)：80−95. Ji Bofan, Lu Mei, Wang Mingliu, et al. Effects of ant nesting on soil CO_2 emissions in the montane slope forests bordering Napahai Wetland, Yunnan Province of southwestern China[J]. Journal of Beijing Forestry University, 2026, 48(8): 80−95.

Effects of ant nesting on soil CO_2 emissions in the montane slope forests bordering Napahai Wetland, Yunnan Province of southwestern China

Ji Bofan[1] Lu Mei[1] Wang Mingliu[2] Huang Minchao[2] Ren Yulian[2] Sun Yujia[2]

收稿日期：2026−04−10 **修回日期：**2026−06−11
基金项目：云南省农业联合重点项目(202501BD070001-024)，云南省中青年学术技术带头人后备人才项目(202205AC160047)，国家自然科学基金地区科学基金项目(42067011)，云南省应用基础研究面上项目(202001AT070113)，西南林业大学水土保持一流学科开放基金项目(SBK20240026)，云南省教育厅科学研究项目(2025Y0837)。

第一作者：纪柏帆，博士生，助理研究员。主要研究方向：脆弱生态系统修复与功能提升。Email：hadesji@163.com 地址：650224 云南省昆明市盘龙区白龙路 300 号西南林业大学生态楼。
责任作者：陆梅，教授，博士生导师。主要研究方向：湿地生态与全球变化。Email：lumeizx@126.com 地址：同上。

本刊网址：https://j.bjfu.edu.cn；https://journal.bjfu.edu.cn

Qu Jing[1]　Cao Shuhan[1]　Yang Zongtao[3]

(1. College of Soil and Water Conservation, Southwest Forestry University, Kunming 650224, Yunnan, China;
2. College of Ecology and Environment (College of Wetlands), Southwest Forestry University, Kunming 650224, Yunnan, China;
3. Napahai Provincial Nature Reserve Management and Protection Bureau, Diqing 674400, Yunnan, China)

Abstract: [**Objective**] The processes and mechanisms by which ant nesting influences soil CO_2 emission dynamics in the montane slope forests adjacent to the Napahai Wetland remain poorly understood. This study aims to elucidate the key pathways and driving mechanisms through which ant nesting regulates soil CO_2 fluxes in these forests. [**Method**] We selected *Formica manchu* in the spruce–fir forests of the Napahai montane slope and established two treatments: ant nest soil and non-nest soil. Soil CO_2 fluxes and bacterial community characteristics were measured using a Li-6400-09 soil respiration chamber and high-throughput sequencing during both dry and wet seasons. Correlation analysis and structural equation modeling were used to identify key drivers and regulatory pathways of soil CO_2 emissions in ant nest soils. [**Result**] (1) Ant nesting significantly promoted soil CO_2 emissions ($p < 0.05$), with clear dry–wet seasonal variations. Compared to non-nest soils, ant nest soils showed a 37.0% increase in CO_2 flux during the dry season and a 22.0% increase during the wet season. (2) Ant nesting significantly increased the relative abundance of Proteobacteria (annual increase of 58.8%–96.3%) and significantly raised soil organic matter, total nitrogen, available phosphorus, available potassium, ammonium nitrogen, nitrate nitrogen, and pH (annual increase of 9.0%–635.0%). Conversely, ant nesting significantly reduced the relative abundance of Acidobacteria (annual decrease of 12.9%–29.6%) and significantly decreased the bacterial ACE and Chao1 indices, soil bulk density, and water content (annual decrease of 34.7%–42.8%). (3) During the dry season, CO_2 flux in ant nest soils was significantly positively correlated with soil nutrients such as carbon and nitrogen and with the relative abundance of Proteobacteria, and significantly negatively correlated with soil bulk density and water content. During the wet season CO_2 flux in ant nest soils was significantly positively correlated with soil temperature, carbon and nitrogen nutrients, and the relative abundance of Proteobacteria, and significantly negatively correlated with soil bulk density, water content, bacterial ACE and Chao1 indices, and the relative abundances of Acidobacteria and Actinobacteria. (4) Structural equation modeling revealed that the effect of ant nesting on soil CO_2 flux differed significantly between dry and wet seasons. During the dry season, ant nesting mainly influenced CO_2 emissions by regulating soil bulk density, nitrogen nutrients, and Proteobacteria. The relative abundance of Proteobacteria had a significant positive direct effect on CO_2 emissions, whereas soil water content, temperature, and nitrogen nutrients indirectly affected emissions by influencing Proteobacteria. During the wet season, the regulatory pathway became more complex: bacterial α diversity exerted a significant negative direct effect on CO_2 emissions, while dominant bacterial phyla (Proteobacteria and Acidobacteria) showed positive direct effects. Meanwhile, soil bulk density, temperature, and nitrogen and phosphorus nutrients indirectly regulated CO_2 emissions by influencing the bacterial community. [**Conclusion**] Ant nesting significantly promotes soil CO_2 emissions in the montane slope forests adjacent to Napahai Wetland, with a greater increase in the dry season (37.0%) than in the wet season (22.0%). The underlying pathways differ markedly between seasons: the dry season is dominated by a positive direct effect of Proteobacteria, whereas the wet season features positive direct effects from both Proteobacteria and Acidobacteria, accompanied by negative direct regulation by bacterial α diversity. Soil physicochemical factors primarily exert indirect effects by modulating the bacterial community.

Key words: ants; soil CO_2 emissions; mountain slope forests; bacterial richness; bacterial composition; soil physicochemical properties

大气二氧化碳（CO_2）浓度急剧升高导致的全球气候变暖，已成为科学界和国际社会广泛关注的前沿热点问题[1−3]。土壤作为陆地生态系统中最大的碳库，储存了全球约三分之二的有机碳[4]，在调节全球气候变化中发挥着不可替代的关键作用。然而，自然扰动（如动物掘穴）或人为活动（如耕作、施肥等）

往往可能导致土壤有机碳以 CO_2 等形式释放进入大气[5−7]。据估算，全球由自然扰动导致的土壤 CO_2 排放通量约占总排放量的 25%[8]，其波动可对大气 CO_2 浓度乃至全球碳平衡产生深远影响。研究表明，引起土壤 CO_2 排放的自然扰动过程主要由植物根系活动、土壤动物行为以及微生物代谢共同驱动[9]。其中，土壤动物通过筑巢、迁移等行为改变土壤结构、化学性质及微生物活动，进而调控 CO_2 释放动态[10−12]，但具体调控机制仍缺乏系统研究。

蚂蚁作为森林生态系统中广泛分布的重要节肢动物，扮演着分解者、消费者、捕食者和生态系统工程师等重要角色，通过介导“植物—微生物—其他土壤动物—土壤理化性质”的交互作用，调控土壤 CO_2 排放的生物生态学过程[8,13]。研究表明，蚂蚁筑巢不仅能够改变土壤温度、湿度及容重等物理性质[14−16]，还能通过取食、排泄和物质搬运等活动显著改变土壤碳、氮、磷等化学性质[17−19]。此外，蚁巢内相对较高的养分含量有助于提升微生物生物量、活性及功能多样性[20−22]，从而加速有机质分解和矿化过程中的 CO_2 排放。目前，有关蚂蚁的研究多集中于其对植物[10,12]、土壤理化性质[17−19,22]和微生物[9,21]的单项影响。近年来，关于蚂蚁活动对土壤碳排放影响的研究视角正从单因素描述转向多因素交互作用的解析。Wu 等[23]研究表明，蚂蚁筑巢等重要动物活动可通过改善土壤微气候、提高碳氮养分含量及微生物生物量等生物和非生物性质而促进土壤呼吸，且其效应强度随年均温变化呈现纬度梯度格局。蚂蚁筑巢通过改变土壤甲烷氧化菌和产甲烷菌的群落结构与多样性、调节微生物生物量碳氮及土壤水热条件，进而影响甲烷氧化过程中的 CO_2 排放动态[24]。一项关于旱化泥炭地蚂蚁筑巢的研究报道表明[25]，*Lasius flavus* 蚁丘土壤因活性碳库占比升高、惰性碳库占比降低而成为碳释放的“热点”，其巢穴的 CO_2 排放通量可达邻近土壤的 4 ~ 25 倍。尽管上述研究分别从养分循环、微生物群落、土壤理化性质等角度揭示了蚂蚁筑巢对土壤 CO_2 排放的驱动作用，但对于蚂蚁筑巢如何介导这些环境因子之间的交互作用而驱动土壤 CO_2 排放，尚缺乏深入的系统解析。特别是在干湿季交替的高寒生态系统中，蚂蚁筑巢对 CO_2 排放通量影响的季节动态及核心驱动路径仍然缺乏系统研究。因此，探明蚂蚁筑巢介导“土壤理化性质及微生物变化”对土壤 CO_2 排放通量的影响，对于理解碳动态的土壤动物学驱动机制具有重要的科学意义。

纳帕海高原湿地作为国际重要湿地，其面山森林（指湿地周边山体坡面上分布的森林）对气候变化的响应极为敏感[26]。面山森林地处高海拔高寒横断山区、降水年际波动大、水分与养分胁迫显著，特别是高山树线对温、湿变化极为敏感[17−18]。同时，高海拔与石灰岩地质叠加削弱了森林生态系统对气候变化的缓冲能力，进而影响到面山森林微生物、土壤动物及其参与的有机质分解、积累及碳排放的生物生态学过程[26]。该区域分布着能适应高寒气候的蚁类群落[18]，其筑巢活动可能通过改变土壤微生物及理化环境进而影响 CO_2 排放过程。独特的干湿季气候使得该区域蚂蚁活动与土壤碳动态的关联尤为紧密，但目前相关研究仍然十分缺乏。因此，本研究以纳帕海面山云杉（*Picea* spp.）−冷杉（*Abies* spp.）林群落为研究对象，通过对比蚁巢与非蚁巢土壤 CO_2 排放通量的干湿季变化，分析蚂蚁筑巢引起土壤理化性质及细菌群落结构和多样性的改变对 CO_2 排放的影响，旨在揭示蚂蚁调控土壤 CO_2 排放的核心路径及其季节特征，以期为深入理解土壤动物驱动的高寒森林土壤碳循环机制提供关键科学依据，也为区域碳收支评估提供数据支撑。

1 研究区概况与研究方法

1.1 研究区概况

研究区位于云南省香格里拉市纳帕海国际重要湿地（27°49′ ~ 27°55′ N、99°37′ ~ 99°43′ E），平均海拔 3 340 m，为典型的喀斯特型季节性湿地[19]。该区属高原季风气候，年均温 5.4 ℃，年降水量约 619.19 mm，干湿季分明，湿季（6—10 月）降雨量约占全年的 80%[27]。土壤类型以亚高山草甸土和暗棕壤为主。面山植被以寒温性针叶林为主，优势植物为冷杉和云杉等[20]。经前期调查，研究区筑巢蚂蚁的优势种为满洲凹头蚁（*Formica manchu*），其巢穴具有明显的丘状地上结构和垂直分层的地下巢室，地表堆积物厚约 15 cm，地下巢体深达 40 cm，主要分布在云杉−冷杉林内，故本研究选取满洲凹头蚁作为研究对象。

1.2 样地设置

2022 年 3 月，在纳帕海面山云杉−冷杉林中，基于海拔、坡向和植被类型的一致性，设置 3 条研究样带（间距 > 100 m）。每条样带内随机布设 3 个 50 m × 50 m 样方，每个样方内随机选取 3 个活动的满洲凹头蚁巢穴作为蚁巢处理样点，所选蚁巢尺寸相对一致（直径约 30 cm，高约 10 cm），并在距每个蚁巢至少 5 m 外、无蚁巢干扰区域设置对应的对照采样点，进行土壤 CO_2 排放、微生物及理化性质的取样测定。样带基本特征见表 1。

1.3 土壤 CO_2 排放通量测定

于 2022 年干季（12 月、3 月）和湿季（6 月、8 月），

表 1　样带基本信息

Tab. 1　Basic information of sample strips

森林类型	样带编号	海拔/m	坡度/(°)	坡向/(°)	平均胸径/cm	平均高度/m	郁闭度/%	密度/(株· hm^{-2})
寒温性针叶林	1	3 335.33	34	153	15.39	4.36	0.76	1 528
	2	3 334.91	31	315	16.82	3.94	0.78	1 491
	3	3 341.28	37	210	16.13	4.77	0.81	1 567

注：坡向方位角以正北(N)为0°，顺时针量测。

在上述各样方的各重复样点内，选择晴朗天气，采用 Li–6400–09 便携式土壤呼吸仪测定蚁巢和非蚁巢的 CO_2 排放通量。鉴于蚂蚁巢穴具有空间异质性，为准确反映整体蚁巢特征，测定时选取蚁巢出口及东、南、西、北 5 个点位(每点重复测定 5 次)，以其均值作为该蚁巢的 CO_2 排放通量。在距各蚁巢 5 m 以外且无蚁巢干扰的区域设置非蚁巢对照区，进行 CO_2 排放通量测定。测定前 2 d 清除 PVC 环内杂草，将 PVC 环(直径 10 cm，高 5 cm)插入土壤深约 3 cm。所有采样均在每月中旬 08：00—11：00 完成，以规避日间温度剧烈波动的影响，且每月采样时重新随机选择测定点位。采用便携式土壤温湿度仪(SIN–TN8)同步测定土壤温度。

1.4　土壤样品采集及处理

在完成上述蚁巢及非蚁巢 CO_2 排放通量测定后，立即对 0 ~ 40 cm 土层土壤进行破坏性采样。首先小心清除表层的枯枝落叶，利用环刀采集原状土以测定容重；同时采用四分法分取约 1 kg 混合土样，装入无菌自封袋，贴标密封后置于冰盒内低温运回实验室。土样按处理流程如下：取约 100 g 鲜土测定土壤含水量；取约 250 g 保存于−20 ℃ 冰箱，一周内完成土壤微生物送检；另取约 500 g 置于室内通风处自然风干 15 d，研磨分别过 1 mm 和 0.25 mm 孔径筛，用于土壤理化性质测定；剩余 150 g 土样置于−80 ℃ 超低温冰箱中，一周内完成硝态氮和铵态氮测定。

1.5　土壤理化指标测定

各项土壤指标均依据《土壤农业化学分析方法》[28]进行测定。具体方法如下：土壤容重采用环刀法；自然含水量采用烘干法；pH 值采用电位法测定(水土比 2.5∶1)；全氮经凯氏法消煮后，由全自动定氮仪测定；全磷采用碱熔钼锑抗比色法；全钾采用氢氧化钠熔融–火焰光度计法测定；有效氮采用碱解扩散吸收法；有效磷采用盐酸–氟化铵浸提法(Bray–I)测定；有效钾采用中性乙酸铵浸提–火焰光度计法；硝态氮采用氯化钾浸提–靛酚蓝比色法测定；铵态氮采用氯化钙分光光度法；土壤有机质采用外加热重铬酸钾氧化–滴定法分析。每个样品均设置 3 次重复，结果取算术平均值。

1.6　土壤细菌群落组成及多样性测定

参照陆梅[29]所述方法，采用美国 OMEGA 公司 Soil DNA KIT 试剂盒提取土壤总 DNA，样品送至北京百迈客生物科技有限公司进行高通量测序。以 338F(5′-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3′)和 806R(5′-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3′)为引物，对细菌 V3~V4 可变区进行 PCR 扩增。反应体系总体积 20 μL：4 μL 5 × FastPfu 缓冲液，2 μL 2.5 mmol/L dNTPs，0.8 μL 引物(5 μmol/L)，0.4 μL FastPfu 聚合酶，10 ng DNA 模板。扩增程序：95 ℃ 预变性 3 min；27 个循环(95 ℃ 变性 30 s，55 ℃ 退火 30 s，72 ℃ 延伸 30 s)；最后 72 ℃ 延伸 10 min。扩增产物经 Miseq 高通量测序仪进行 2 × 300 bp 双端测序[27]。测序数据使用 Trimmomatic v0.33 软件过滤 Raw Reads，通过 cutadapt 1.9.1 软件识别并去除引物序列，获得 Clean Reads。采用 QIIME2 2020.6 进行去噪、双端序列拼接及嵌合体去除，得到最终有效数据。以 97% 的序列相似度阈值将序列聚类为可操作分类单元(OTU)，利用朴素贝叶斯分类器对特征序列进行分类学注释，获取各分类水平的物种信息，进而统计各处理组的细菌群落组成并计算多样性[27]。

1.7　数据处理

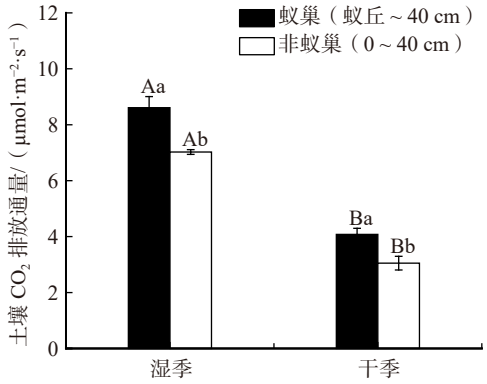
采用 SPSS 29.0 进行双因素方差分析(two-way ANOVA)，检验处理(蚁巢与非蚁巢)、季节(干季与湿季)及其交互作用对土壤 CO_2 排放通量和土壤理化性质的影响；当效应达到显著水平时，采用最小显著性差异法(LSD)进行事后多重比较。通过计算 Pearson 相关系数($\alpha = 0.05$)检验土壤细菌门水平群落组成、多样性与环境因子和土壤 CO_2 排放通量之间的相关性，该分析在 Origin Pro 2025 中完成。利用 Smart-PLS 4.0 软件进行偏最小二乘(partial least square，PLS)路径分析，构建结构方程模型，以探究蚂蚁筑巢影响下 CO_2 排放通量、土壤环境因子、细菌群落组成及 α 多样性之间的关系。经过信效度检验，有效评估结构方程模型(SEM)的可信度：内部一致性采用克隆巴赫信度(Cronbach's Alpha，CA)评价，要求 CA 值大于 0.7；潜变量组合信度(composite

reliability，CR）大于 0.6；平均方差抽取（AVE）验证的收敛效度大于 0.5；利用方差膨胀因子（VIF）检验潜变量的多重共线性[30]。结构方程模型路径出图后利用 Adobe Illustrator 2025 完成绘制。

2 结果与分析

2.1 蚂蚁筑巢对土壤 CO_2 排放通量影响的干湿季节动态

总体而言，在全年尺度上（包括干、湿季），蚂蚁筑巢显著提高了土壤 CO_2 平均排放通量（图 1，$p < 0.05$）。具体而言，蚁巢与非蚁巢土壤年均 CO_2 排放通量分别为 6.35 和 5.00 μmol/(m^2·s)，蚁巢土壤较非蚁巢土壤增加了 27%。



不同大写字母表示不同季节间差异显著（$p < 0.05$），不同小写字母表示不同处理间差异显著（$p < 0.05$）。

图 1 蚁巢与非蚁巢土壤 CO_2 排放通量季节动态

Fig. 1 Seasonal dynamics of Soil CO_2 emission fluxes from Ant nest and Non-ant nest

蚁巢与非蚁巢土壤 CO_2 排放通量存在显著季节性差异，表现为湿季高于干季（图 1，$p < 0.05$），蚁巢湿季排放量为干季的 2.11 倍，非蚁巢湿季为干季的 2.38 倍。双因素方差分析结果表明，筑巢与否、季节（干季与湿季）及二者的交互作用均对土壤 CO_2 排放通量具有极显著影响（表 2，$p < 0.001$）。

2.2 蚁巢与非蚁巢土壤细菌群落组成及多样性特征

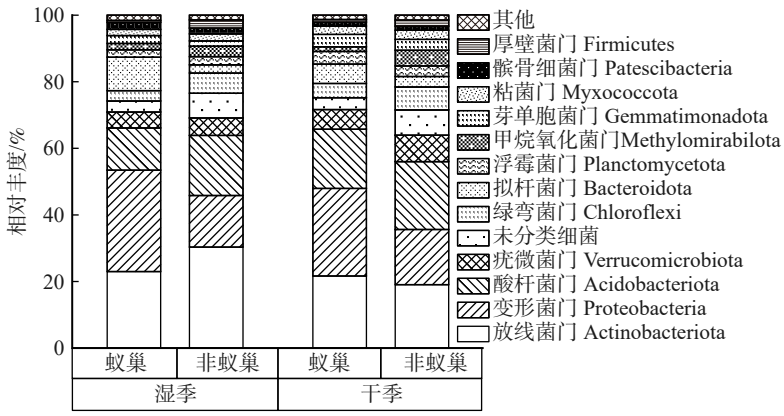
基于 Illumina 高通量测序及干湿两季的综合测定结果，蚁巢与非蚁巢土壤中共检测到 47 个细菌门。其中，相对丰度大于 1% 的主要细菌门类群共 13 个（图 2），分别为放线菌门（Actinobacteriota，25.94%～35.69%）、变形菌门（Proteobacteria，18.38%～27.92%）、酸杆菌门（Acidobacteriota，12.73%～20.26%）、疣微菌门（Verrucomicrobiota，5.28%～10.76%）、未分类细菌（unclassified_Bacteria，4.13%～7.71%）、绿弯菌门（Chloroflexi，3.85%～5.73%）、拟杆菌门（Bacteroidota，2.43%～4.71%）、浮霉菌门（Planctomycetota，2.68%～4.26%）、甲烷氧化菌门（Methylomirabilota，1.55%～3.92%）、芽单胞菌门（Gemmatimonadota，1.95%～3.16%）、粘菌门（Myxococcota，1.37%～2.83%）、髌骨细菌门（Patescibacteria，0.64%～2.67%）以及厚壁菌门（Firmicutes，0.52%～1.61%）。综合干湿两季数据，蚁巢与非蚁巢土壤中的优势菌门均为放线菌门、变形菌门和酸杆菌门，三者合计相对丰度均超过

表 2 不同处理和季节对土壤 CO_2 排放通量和理化性质的双因素方差分析（F 值）

Tab. 2 Two-way analysis of variance (F value) for soil CO_2 emissions and physicochemical properties across different treatments and seasons

项目	不同处理（蚁巢和非蚁巢）	季节（干季与湿季）	不同处理 × 季节
土壤CO_2排放通量	160.87***	1 704.63***	7.26***
土壤酸碱度（pH）	52.28***	64.35***	3.64
土壤有机质（SOM）	7.02*	16.37***	0.62
土壤温度（ST）	2.52	104.95***	3.17
土壤全氮（TN）	26.26***	1.13	16.14***
土壤全磷（TP）	0.01	36.40***	1.23
土壤全钾（TK）	1.72	6.81*	6.23*
土壤有效氮（AN）	3.73	0.01	0.02
土壤有效磷（AP）	15.20***	0.01	1.50
土壤有效钾（AK）	45.51***	34.08***	15.57***
土壤容重（BD）	48.60***	18.40***	28.21***
土壤含水率（SWC）	16.14***	2.77	1.31
土壤铵态氮（NH_4^+-N）	12.08**	2.71	5.35*
硝态氮（NO_3^--N）	6.45*	3.84	0.88

注：***表示$p < 0.001$，**表示$p < 0.01$，*表示$p < 0.05$。下同。



相对丰度＜1% 的门类合并为其他。

图 2　蚁巢与非蚁巢土壤细菌门水平群落组成

Fig. 2　Soil community composition at the bacterial phylum level in ant nest and non-ant nests

57.05%。

基于 Bray-Curtis 距离的主坐标分析（PCoA）结果显示（图 3），蚁巢与非蚁巢样本的细菌群落结构呈现明显分离。前两主坐标轴（PCoA1 和 PCoA2）分别解释了总变异的 45.83% 和 22.31%，累计解释率为 68.14%，表明二维排序图能够较好地反映样本间群落结构的差异。PERMANOVA 检验进一步证实，蚁巢与非蚁巢之间的细菌群落结构差异具有统计学意义（$R^2 = 0.236$，$p = 0.002$）。此外，蚁巢与非蚁巢土壤优势菌门的相对丰度存在显著差异（$p < 0.05$），且这种差异在干、湿季均表现出一致的变化趋势。具体而言，无论干季还是湿季，蚁巢土壤中变形菌门的相对丰度均显著高于非蚁巢土壤，而酸杆菌门的相对丰度则显著低于非蚁巢土壤；放线菌门在两类土壤间差异不显著。此外，季节变化也显著影响优势菌门的组成。与干季相比，湿季土壤（含蚁巢与对照土壤）中变形菌门和放线菌门的相对丰度分别增加了 7% 和 31%，而酸杆菌门的相对丰度降低了 20%。

综合干湿两季分析，蚂蚁筑巢显著改变了土壤细菌 α 多样性（$p < 0.05$）。蚁巢土壤的 ACE 指数

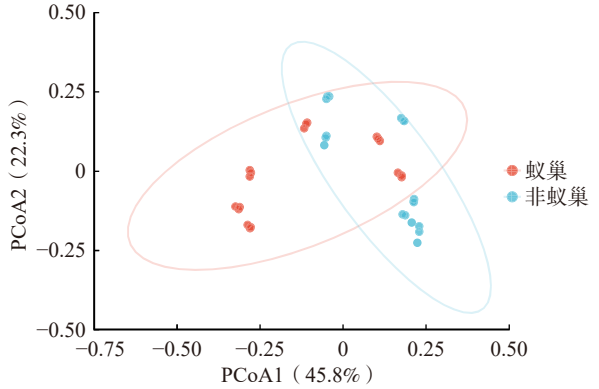


图 3　基于 Bray-Curtis 距离的蚁巢与非蚁巢细菌群落 PCoA 排序图

Fig. 3　PCoA ordination of bacterial communities in ant nest and non-ant nests based on Bray-Curtis distance

（图 4a）和 Chao1 指数（图 4b）均显著低于非蚁巢土壤，减幅分别为 35.8% 和 34.7%；而 Simpson 指数（图 4c）和 Shannon 指数（图 4d）则显著大于非蚁巢土壤，增幅分别为 1.5% 和 3.0%。此外，季节变化对土壤细菌 α 多样性亦有显著影响。干季蚁巢与对照土壤的 ACE、Chao1、Shannon、Simpson 指数分别为湿季的 1.96 倍、2.04 倍、1.14 倍和 1.01 倍。

2.3　蚁巢与非蚁巢土壤理化性质比较

蚂蚁筑巢在干湿两季均显著影响了土壤理化性质（表 2、3，$p < 0.05$）。蚂蚁筑巢显著增加土壤有机质（SOM）、全氮（TN）、有效磷（AP）、有效钾（AK）、铵态氮（NH_4^+-N）、硝态氮（NO_3^--N）和 pH，分别为非蚁巢的 1.9 倍、3.0 倍、7.4 倍、2.7 倍、3.0 倍、4.0 倍和 1.1 倍；而土壤容重（BD）和含水量（SWC）显著降低，分别为非蚁巢的 0.69 倍和 0.65 倍。

季节变化也显著影响着蚁巢和非蚁巢土壤理化性质，且表现各不相同（$p < 0.05$）。湿季蚁巢土壤中 SOM、TN、有效氮（AN）、AK、NH_4^+-N、NO_3^--N、pH 较非蚁巢提升 10% ~ 160%，AP 提升最多（高达 39 倍），BD 下降 70%。干季蚁巢土壤中 SOM、TN、AP、AK、NH_4^+-N、NO_3^--N 和 pH 较非蚁巢提升 10% ~ 310%，BD 下降 10%。从季节变化来看，湿季土壤中 ST、TN、TP、AK、NH_4^+-N 较干季提升 140%、90%、110%、140%、110%；SOM、NO_3^--N、BD 和 SWC 较干季下降 40%、60%、60%、9%。双因素方差分析表明，筑巢与否和季节（干、湿季）的交互效应对 TN、TK、AK、BD、NH_4^+-N 有显著影响（$p < 0.05$）。

2.4　蚂蚁筑巢对土壤细菌群落组成、多样性及理化性质与 CO_2 排放通量关系的影响

Pearson 相关分析表明，在干季（图 5a），土壤 CO_2 排放通量与 SOM、TN、AN、AP、AK、NH_4^+-N、NH_3^--N 和变形菌门呈显著正相关（$p < 0.05$），与 BD、SWC 呈显著负相关（$p < 0.05$），而与 pH、ST、TP、

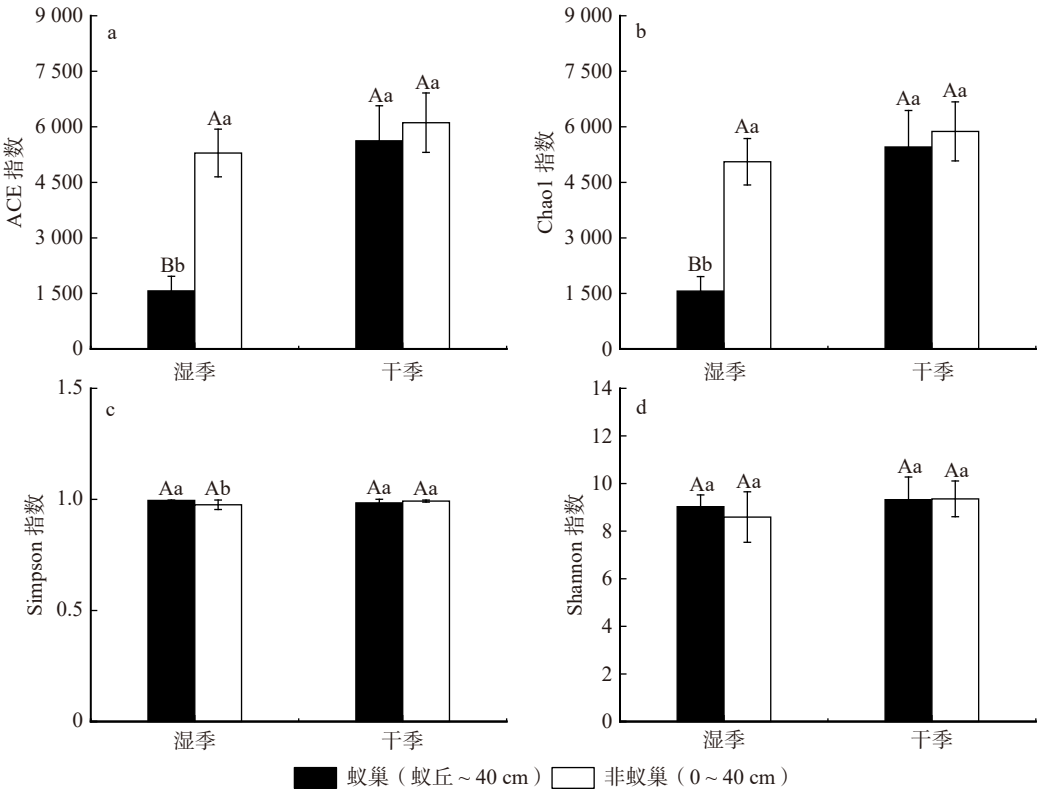


图 4 蚁巢与非蚁巢土壤细菌 α 多样性指数变化

Fig. 4 Changes in soil bacterial diversity indices between ant nests and non-ant nests

表 3 蚁巢与非蚁巢土壤理化性质的季节特征

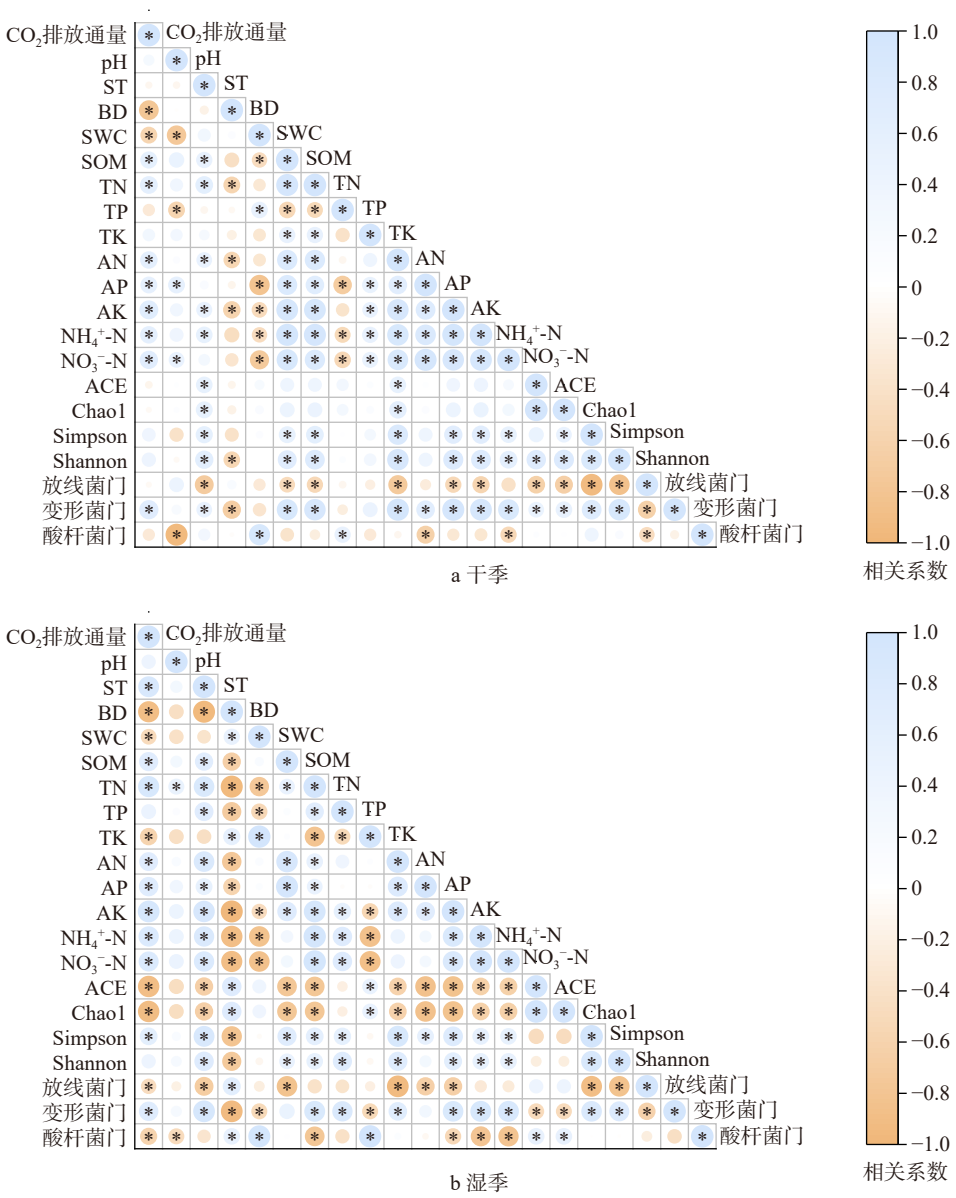
Tab. 3 Seasonal characteristics of soil physical and chemical properties in ant nests and non-ant nests

指标	干季		湿季	
	蚁巢	非蚁巢	蚁巢	非蚁巢
pH	5.78 ± 0.39Ba	5.56 ± 0.45Bb	6.74 ± 0.06Aa	5.94 ± 0.24Ab
SOM/(g·kg^{-1})	24.24 ± 11.47Aa	16.88 ± 6.90Aa	14.69 ± 4.86Aa	3.81 ± 2.86Bb
ST/℃	9.36 ± 2.28Ba	11.28 ± 4.55Ba	22.76 ± 1.04Aa	19.54 ± 1.40Ab
TN/(g·kg^{-1})	1.11 ± 0.43Aa	0.76 ± 0.42Aa	2.10 ± 0.75Aa	0.31 ± 0.04Bb
TP/(g·kg^{-1})	0.52 ± 0.27Ba	0.60 ± 0.06Ba	1.07 ± 0.21Aa	0.92 ± 0.16Aa
TK/(g·kg^{-1})	11.44 ± 2.78Aa	9.92 ± 4.75Ba	11.55 ± 3.48Ab	14.73 ± 1.95Aa
AN/(mg·kg^{-1})	318.20 ± 180.83Aa	195.27 ± 90.92Aa	319.42 ± 31.08Aa	214.27 ± 62.70Aa
AP/(mg·kg^{-1})	121.11 ± 126.17Aa	34.34 ± 22.97Aa	161.59 ± 74.60Aa	4.14 ± 1.48Bb
AK/(mg·kg^{-1})	321.73 ± 166.09Ba	153.67 ± 108.47Aa	771.55 ± 93.87Aa	253.29 ± 79.85Ab
BD/(g·cm^{-3})	0.99 ± 0.04Aa	1.11 ± 0.07Aa	0.36 ± 0.24Bb	1.25 ± 0.23Aa
SWC/%	11.20 ± 4.95Ab	18.32 ± 4.48Aa	10.24 ± 6.46Aa	14.54 ± 2.88Aa
NH_4^+-N/(mg·kg^{-1})	14.43 ± 10.00Aa	7.74 ± 5.14Aa	29.67 ± 15.15Aa	6.88 ± 1.49Ab
NO_3^--N/(mg·kg^{-1})	2.91 ± 2.66Aa	0.68 ± 0.41Ab	1.28 ± 0.62Aa	0.36 ± 0.04Ba

注：同列不同大写字母表示不同季节间差异显著($p < 0.05$)，不同小写字母表示不同处理间差异显著($p < 0.05$)。

TK、ACE、Chao1、Simpson、Shannon、放线菌门和酸杆菌门无显著相关性($p > 0.05$)。在湿季(图 5b)，土壤 CO_2 排放通量与 ST、SOM、TN、AN、AP、AK、NH_4^+-N、NH_3^--N、Simpson 和变形菌门呈显著正相关($p < 0.05$)，与 BD、SWC、TK、ACE、Chao1、放线菌门和酸杆菌门呈显著负相关($p < 0.05$)，与 pH、TP 和 Shannon 无显著相关性($p > 0.05$)。

基于蚁巢和非蚁巢土壤 CO_2 排放通量对干湿季



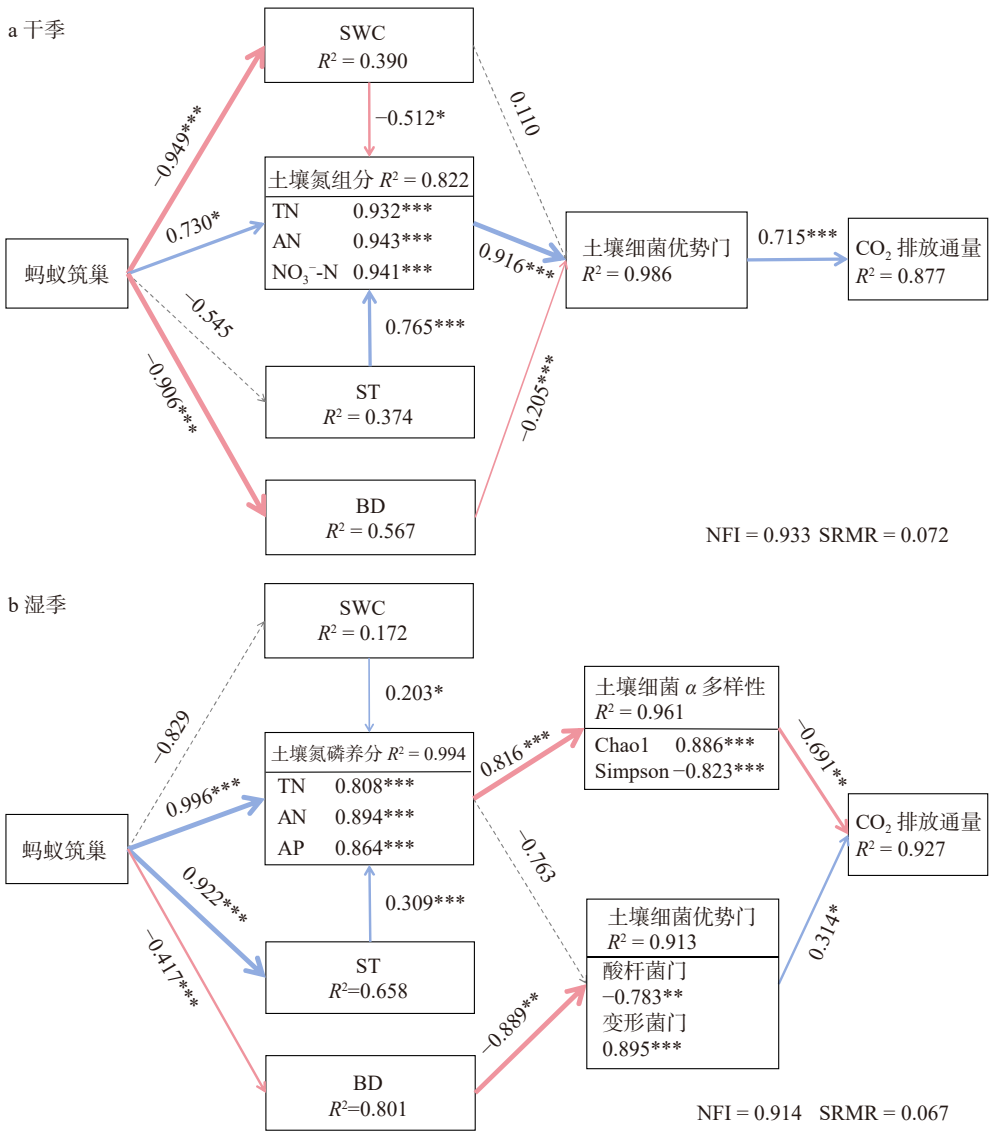
*表示在 $p < 0.05$ 水平上显著相关。

图 5　蚁巢和非蚁巢土壤 CO_2 排放干湿季变化与细菌群落组成、多样性和理化环境因子的相关性热图

Fig. 5　Heatmap illustrating the relationship among CO_2 emissions and environmental factors, and bacterial community composition and diversity in ant nest and non-ant nest soils

节响应方式的差异，筛选影响土壤 CO_2 排放通量的关键因子，并采用结构方程模型研究蚂蚁筑巢对土壤 CO_2 排放通量的影响。对干、湿季相关分析中呈显著相关的因子进行多重共线性诊断，以 VIF < 5 为阈值筛选变量纳入模型。模型拟合优度检验显示：干季模型 NFI = 0.933，SRMR = 0.072；湿季模型 NFI = 0.914，SRMR = 0.067，表明模型拟合良好。干季结构方程模型结果表明，土壤容重、温度、含水量、氮组分和细菌优势门共同解释了 87.7% 的土壤 CO_2 排放通量的变化（图 6a）。细菌优势门中的变形菌门对 CO_2 排放通量有直接且显著的正向影响（路径系数为 0.715）；蚂蚁筑巢引起含水量（$R^2 = 0.390$）显著变化（路径系数−0.949），并对氮组分产生直接且显著的抑制作用（路径系数−0.512），而温度对氮组分产生直接且显著的促进作用（路径系数为 0.765）。同时，蚂蚁筑巢下的容重（$R^2 = 0.567$，路径系数为−0.205）和氮组分（$R^2 = 0.822$，路径系数为 0.916）通过影响细菌优势门（$R^2 = 0.986$），间接促进土壤 CO_2 排放通量（路径系数为 0.715）。其中，细菌优势门、氮组分及容重对土壤 CO_2 排放通量的解释率较高（$R^2 > 0.5$）。因此，干季蚂蚁筑巢主要通过调控土壤容重、氮组分和细菌优势门，从而影响土壤 CO_2 排放通量的变化。

湿季结构方程模型结果表明，土壤容重、温度、含水量、氮磷养分、细菌 α 多样性和细菌优势门共同解释了 92.7% 的土壤 CO_2 排放通量的变化（图 6b）。细菌 α 多样性对土壤 CO_2 排放通量有直接且显著的



矩形框表示观测变量，其中“蚂蚁筑巢”为外生变量（0 = 非蚁巢，1 = 蚁巢），其余为内生变量。单向箭头表示有联系的方向，蓝色实线和红色实线分别表示正、负相关关系，虚线表示关系不显著；线上黑色数字为路径系数，R2 为模型中数据的解释率；NFI 为规范拟合指数；SRMR 为标准化残差均方根。

图 6 基于预测变量对土壤 CO_2 排放通量影响的偏最小二乘法结构方程模型

Fig. 6 Partial least squares structural equation model illustrating based on the influence of predictors on soil CO_2 emission flux

负向影响(路径系数为−0.691)，细菌优势门(变形菌门和酸杆菌门)对土壤 CO_2 排放通量有直接且显著的正向影响(路径系数为 0.314)。蚂蚁筑巢对含水量(R^2 = 0.172，路径系数−0.829)的影响不显著，但对温度影响显著(R^2 = 0.658，路径系数 0.922)，含水量(路径系数为 0.203)和温度(路径系数为 0.309)均对氮磷养分具有显著促进作用。同时，蚂蚁筑巢下容重(R^2 = 0.801，路径系数−0.889)通过影响细菌优势门(R^2 = 0.913)，对 CO_2 排放通量产生间接的促进作用(路径系数为 0.314)。而氮磷养分(R^2 = 0.994，路径系数 0.816)通过影响细菌 α 多样性(R^2 = 0.961)，间接抑制土壤 CO_2 排放通量(路径系数为−0.691)。其中，土壤氮磷养分、容重、温度、细菌 α 多样性和细菌优势门对 CO_2 排放通量的解释率较高(R^2 > 0.5)。因此，湿季蚂蚁筑巢主要通过调控土壤容重、温度、氮磷养分、细菌优势门和细菌 α 多样性，从而影响土壤 CO_2 排放通量的变化。

3 讨 论

3.1 不同干湿季节下蚂蚁筑巢对土壤 CO_2 排放通量的影响

本研究中，无论湿季还是干季，蚁巢土壤 CO_2 排放通量均显著高于非蚁巢土壤，这与以往关于蚂蚁巢穴促进土壤 CO_2 排放的结论一致[25, 31−32]。其原因可能在于，蚂蚁筑巢活动通过改变了土壤理化性质，为土壤微生物呼吸创造了更适宜的环境[33]，从而普遍促进了土壤 CO_2 排放。一方面，蚂蚁筑巢产生的生物扰动降低了土壤容重、提高了孔隙度，改善了

土壤通气状况[34]，有利于好氧微生物的呼吸代谢；同时，巢穴内部相对稳定的温湿度和疏松的土壤结构为微生物活动提供了稳定的微生境[23−25]。另一方面，蚂蚁搬运食物和排泄物的积累显著提高了土壤有机质和养分含量[35]，为微生物呼吸提供了充足底物。此外，蚂蚁筑巢引起的养分富集和微环境变化还会影响土壤胞外酶活性，提升土壤微生物的代谢潜能，进而加速土壤有机质分解过程中的 CO_2 排放[36]。然而，本研究中蚁巢 CO_2 年均排放通量高于李霁航等[36]在西双版纳热带森林和张雪慧等[20]在温带泥炭地的观测值。造成这一差异的可能原因包括样地气候条件、巢穴效应强度和土壤本底碳库各组分含量的不同。

高寒森林蚁巢对干湿季土壤 CO_2 排放均具有促进作用，且干季的相对增幅更高。这一现象与蚁巢结构的保温隔热功能密切相关[15, 18−19]。蚁巢内部温度的日较差和季节变幅均显著小于周边非蚁巢土壤，这为土壤微生物和蚂蚁的活动提供了一个相对稳定的生存环境[16]。在干季，蚂蚁筑巢对 CO_2 排放的促进作用更为突出。这主要归因于两方面：其一，蚁巢的缓冲作用可避免夜间或寒潮期间土壤温度骤降对微生物造成的胁迫，从而维持其基础呼吸活性[37]；其二，蚁巢内富集的有机质与养分形成“养分富集斑块”[38]，为微生物提供了持续的碳源与能量，而同期非蚁巢土壤微生物则因底物匮乏和低温胁迫多处于休眠状态。此外，干季频繁的冻融循环会破坏土壤团聚体，释放出被封存的易分解有机质[39−40]，而蚁巢疏松多孔的结构进一步促进了底物与微生物的接触。同时，蚁巢土壤与碳氮循环相关的酶活性在干季仍维持相对较高水平[41−42]，进一步促进了有机质的分解与 CO_2 的生成。因此，蚁巢在干季能够提供一个相对温暖、稳定、富养的微生境，维持相对较高的分解代谢与 CO_2 排放，从而拉大了与非蚁巢土壤的排放差距，这也是干季增幅高于湿季的重要原因。

在湿季，蚂蚁筑巢对 CO_2 排放的促进作用可能由于湿季较高的温度和充足的水分条件本身有利于微生物活动[18]，而蚁巢疏松多孔的结构进一步改善了土壤通气状况，为好氧微生物提供了更为适宜的代谢环境[20−22]。其次，蚂蚁在湿季活动频繁，大量搬运食物残渣和排泄物，导致蚁巢内有机质和速效养分（如铵态氮、硝态氮、有效磷）显著富集[35]。这些养分在湿季高温条件下被微生物快速分解利用，从而大幅促进了 CO_2 的生成。再次，蚁巢土壤中与碳、氮循环相关的酶（如 β-葡萄糖苷酶、几丁质酶、脲酶和蛋白酶）活性往往更高[41−42]。在湿季适宜的水热条件下，这些酶的催化效率进一步提升，能够将纤维素、几丁质等难分解有机质快速降解为小分子物质[22]，并促进有机氮向有效氮的转化，为微生物呼吸提供了持续的底物供应[43]。此外，蚁丘疏松多孔的巢室介质具有较低的热导率，能有效缓冲外界高温及其剧烈波动[20]，避免过高温度对微生物活性产生抑制，从而维持了湿季蚁巢内微生物的持续分解代谢。因此，在湿季，蚂蚁筑巢通过改善土壤物理结构、富集养分、提升酶活性以及缓冲温度波动等多重机制，共同促进了土壤 CO_2 排放。

3.2　不同干湿季节下蚂蚁筑巢对土壤理化性质的影响

蚂蚁筑巢引起了土壤容重降低、pH 升高以及碳、氮、磷等养分的明显富集。这些理化性质的变化主要源于：一方面，蚂蚁将植物残体和昆虫尸体等食物带入巢穴，食物残渣与排泄物的积累直接增加了土壤碳、氮和磷含量[35]；另一方面，蚂蚁在掘穴过程中对土壤颗粒的分离与筛选，尤其是为稳固通道结构而优先选用细颗粒的行为，共同导致土壤孔隙度增加与容重降低[36]。此外，蚂蚁带入的蜜露富含糖类物质和碱性阳离子，不仅可能驱动 pH 升高，也为微生物活动提供了易分解碳源，可能促进了有机氮向铵态氮、硝态氮的转化[17−18]。本研究中土壤容重的降低幅度与解玲玲等[16]和肖博等[19]在温带或热带生态系统中的研究结果有所不同，这两项研究均发现蚂蚁筑巢对土壤容重的影响相对有限。这种差异可能与纳帕海高原湿地面山森林区域土壤发育程度较低、初始容重普遍偏高有关，因此蚂蚁筑巢活动对土壤物理结构的改造效应可能被明显放大[34, 44]。蚁巢筑巢使得土壤 pH 升高（呈中偏酸性），这与肖博等[19]在西双版纳热带森林中观察到的蚂蚁巢穴 pH 更低的结果相反。这种差异可能源于土壤本底性质、蚂蚁食物来源及气候条件的不同。就土壤本底性质而言，热带森林土壤呈强酸性[45]，而高寒森林土壤为弱酸性至中性[46]；就蚂蚁食物来源而言，高寒森林蚂蚁以蜜露为主要食物，蜜露富含碱性阳离子[47]；就气候条件而言，高寒森林低温抑制淋溶，碱性物质得以积累[17−18]。本研究中蚁巢对有机质、全氮、铵态氮、硝态氮和有效磷均表现出富集，其中有效磷的富集程度相对较高，这与热带森林研究中蚁巢主要促进氮库组分增加的结果有所不同[19−20]，可能与该区域低温抑制有机质分解、土壤磷素本底含量较低有关[17]。

蚂蚁筑巢对土壤理化性质的影响在干湿两季有所不同。在干季，低温条件抑制了微生物的分解活性，使得蚂蚁带入的有机物质分解速率较慢，可能导致养分在蚁巢中的积累效应更为持久[15−16]。同时，干季较低的降雨量可能减少了养分的淋溶损失，有利于维持蚁巢内的养分富集状态。此外，干季频繁

的冻融循环可能破坏土壤团聚体，释放出被封存的易分解有机质[39−40]，这可能进一步增加了蚁巢内可利用底物的含量。值得注意的是，干季非蚁巢土壤因低温胁迫和底物匮乏，微生物活动受到强烈抑制，而蚁巢内相对稳定的温度和持续的养分输入[16, 38]，使得蚁巢与非蚁巢之间的养分差异在干季可能更为突出。干季土壤冻结可能导致土壤结构相对稳定，蚂蚁筑巢带来的容重降低效应可能得以保持[17]。干季较低的淋溶强度可能有利于碱性阳离子在蚁巢内积累[22]，使得蚁巢土壤 pH 的升高幅度可能大于湿季。在湿季，较高的温度和充足的水分条件可能加速了蚁巢中有机质的非生物性分解（如水解、光解等化学过程）以及养分的溶解释放[35]。这一过程一方面导致蚁巢内速效养分（如铵态氮、硝态氮和有效磷）的生成速率加快；另一方面，较快的矿化速率也可能导致有机质消耗增加，使得蚁巢内有机质的积累效应相对干季有所减弱[22]。湿季较强的降雨可能导致部分速效养分（尤其是硝态氮）的淋溶损失，这可能是湿季蚁巢土壤养分富集程度相对干季有所降低的原因之一。然而，湿季较高的土壤湿度有利于硝化作用的进行[36]，可能导致铵态氮向硝态氮的转化速率加快，这可能是硝态氮在湿季仍能保持较高富集水平的原因。在土壤容重方面，湿季较高的土壤水分可能使土壤结构更易受到蚂蚁活动的扰动，蚂蚁筑巢对容重的降低效应可能更为明显。湿季较高的降雨量可能加剧碱性阳离子的淋溶，导致蚁巢土壤 pH 的升高幅度可能小于干季。湿季蚂蚁活动频率可能较高，食物搬运强度增大，这在一定程度上可能抵消了淋溶作用导致的养分损失，使得蚁巢在湿季仍能维持较高的养分水平[35]。此外，湿季较高的温度和水分条件也可能促进蚂蚁带入的蜜露中糖类物质的分解，这可能进一步影响土壤 pH 和微生物活性[17−18]。综上所述，干湿两季，蚂蚁筑巢对土壤理化性质的影响存在差异：干季以养分的“积累”为主，低温抑制分解和低淋溶强度使得养分在蚁巢内得以保存；湿季则以养分的“周转”为主，高温促进矿化和高淋溶强度使得养分的释放和损失同时加剧。土壤容重的降低在干湿两季均表现稳定，可能反映了蚂蚁筑巢对土壤物理结构的改造具有持久性，不易受季节变化的影响[34]。土壤 pH 的升高幅度在干季更为明显，可能与干季碱性阳离子积累强于淋溶有关[45]。

3.3 不同干湿季节下蚂蚁筑巢对土壤细菌组成及多样性的影响

蚂蚁筑巢引起的细菌群落变化可能与其对不同营养类型微生物的差异化筛选有关。变形菌门在蚁巢土壤中呈现富集趋势，这可能是因为该门类多数属于富营养型微生物[48]，通常具有较强的底物利用能力和较高的生长速率，在蚂蚁筑巢导致的养分富集环境中能够迅速增殖成为优势类群[48−49]。蚂蚁筑巢显著提升了土壤中有机质、全氮、铵态氮和有效磷等养分含量，为富营养型变形菌门创造了理想的生长条件[49]。酸杆菌门在蚁巢土壤中的相对丰度降低，可能由于酸杆菌门代谢速率慢、生长周期长，且对高养分环境适应能力较弱，属于典型的寡营养型微生物[50]；同时，酸杆菌门多数类群偏好酸性环境[51]，而蚁巢土壤 pH 的升高可能进一步抑制了其生长。因此，在蚁巢养分富集和 pH 升高的双重作用下，酸杆菌门相对丰度可能呈现降低趋势[50−51]。放线菌门在研究区蚁巢与非蚁巢土壤间差异不显著，可能与高寒森林特定的环境条件或该门类内部不同类群对筑巢响应的差异性有关[17]。蚁巢土壤细菌丰富度降低而多样性指数显著升高，表明群落均匀度有所提升，这可能与蚁巢对不同营养类型细菌的差异化筛选有关[49]。巢穴内部相对稳定的温湿度、疏松多孔的结构以及丰富的养分，促进了富营养型、好氧的特定微生物类群的繁殖，同时通过资源竞争性排斥抑制了寡营养型或稀有类群的繁殖与生长，从而导致群落组成的简化和丰富度的下降[20−21]；而多样性指数的升高则可能表明蚁巢内各菌群的比例更加均衡，优势类群的主导地位有所减弱。

从季节差异来看，蚂蚁筑巢对土壤细菌群落组成和 α 多样性的影响在干湿两季表现出一致的变化趋势，但影响强度有所不同。在干季，变形菌门的富集程度和酸杆菌门的降低幅度均较为明显。这可能是因为干季低温胁迫下，非蚁巢土壤微生物整体活性受到抑制，大部分微生物进入休眠或代谢停滞状态[37, 39]，而蚂蚁筑巢带来的养分富集效应在此时更为突出。变形菌门作为富营养型微生物，在养分相对匮乏的干季能够获得更大的竞争优势[48−49]，同时蚁巢的保温隔热功能为变形菌门提供了相对稳定的温度环境，避免了低温对其活性的抑制[16]；酸杆菌门则因对高养分环境的适应能力较弱以及蚁巢土壤 pH 的升高，其相对丰度进一步降低。此外，干季频繁的冻融循环可能破坏土壤团聚体，释放出被封存的易分解有机质[40, 48]，这为变形菌门等富营养型微生物提供了额外的碳源，可能进一步促进了其富集。在细菌 α 多样性方面，干季蚁巢土壤丰富度的降低可能与非蚁巢土壤中大部分微生物因低温和底物匮乏而进入休眠状态有关，而蚁巢通过提供相对稳定的微环境和持续的营养输入，维持了部分功能类群的活跃代谢，使得蚁巢与非蚁巢之间的多样性差异更为显著[21−22, 38]。在湿季，蚂蚁筑巢对细菌群落组成

的影响方向与干季一致，但相对富集效应不如干季显著。这可能是因为湿季较高的温度和水分条件本身有利于微生物活动，非蚁巢土壤中变形菌门和酸杆菌门的绝对丰度可能均有所增加[48−49]，从而在一定程度上缩小了蚁巢与非蚁巢之间的相对差异。然而，湿季较高的温度也可能促进蚂蚁的活动频率和食物搬运强度，使得蚁巢内的养分输入更为持续[35]，这在一定程度上仍能维持变形菌门的优势地位。湿季蚁巢土壤中变形菌门和放线菌门的相对丰度较干季有所增加，而酸杆菌门的相对丰度较干季降低，这可能与湿季较高的温度和水分条件促进了富营养型微生物的生长繁殖有关[48−49]。在细菌 α 多样性方面，湿季蚁巢土壤丰富度的下降幅度较干季更为明显，这可能与湿季水热条件适宜、蚁巢内微生物代谢更为旺盛、优势类群的竞争排斥作用更强有关[52]。在湿季较高的温度和水分条件下，变形菌门等富营养型微生物的生长速率进一步提升，其对养分和空间的竞争能力增强，从而更有效地抑制了寡营养型或稀有类群的生存，导致丰富度下降更为显著[53]。此外，季节变化本身也会影响细菌多样性。与 Frossard 等[54]在高寒生态系统中观察到的冬季微生物多样性高于夏季的结果类似，本研究中干季各多样性指数高于湿季，这可能与干季微生物群落结构相对稳定、稀有类群在低温条件下得以保存有关[55]。

3.4　不同干湿季节下蚂蚁筑巢对土壤 CO_2 通量影响的调控机制

蚂蚁筑巢通过改变土壤质地、结构和养分有效性，间接影响土壤微生物的组成与功能，进而调控 CO_2 的产生与排放过程。然而，这一调控路径在不同水热条件下可能存在显著差异。研究期间干季气候表现为明显的低温、少雨，湿季则呈现高温、多雨的典型水热格局[17]。在此背景下，本研究通过结构方程模型分析发现，蚂蚁筑巢对高寒森林土壤 CO_2 排放的驱动机制可能存在干湿季节分异。干季中变形菌门相对丰度直接促进了 CO_2 排放，可能由于变形菌门是富营养型微生物，在养分富集环境中能够迅速增殖，并通过分解有机质贡献 CO_2 排放[48−49]。蚂蚁筑巢同时通过调控土壤容重、含水量和温度间接影响变形菌门的丰度。其中，蚂蚁筑巢引起的土壤容重降低有助于改善土壤通气条件，促进好氧微生物的代谢活动和有机质分解速率[21−22, 36]，从而有利于 CO_2 排放；研究区干季本底土壤含水量高于湿季，蚂蚁筑巢通过挖掘通道降低局部土壤含水量，在干季条件下，含水量的降低可增加土壤孔隙中 O_2 的相对含量，从而有助于缓解厌氧环境对好氧微生物养分矿化过程的抑制[22, 37]。在干季模型中，细菌 α 多样性未能进入最终的调控路径，这可能与干季低温胁迫有关[56]。低温条件下，土壤微生物整体活性受到抑制，大部分微生物进入休眠或代谢停滞状态，群落内部的功能冗余和种间竞争效应被极大削弱[56]。此时，土壤 CO_2 排放主要依赖少数仍保持活性的优势类群（如变形菌门）的基础代谢，而非依赖多样性的生态功能补偿机制[57]。因此，细菌 α 多样性对碳排放的调控作用在干季可能被环境胁迫所掩盖。这与 Sveen 等[58]在温带生态系统中发现的细菌 α 多样性显著影响 CO_2 排放通量有所不同，可能与高寒地区冬季极端低温对微生物群落功能的筛选作用有关[59]。

相较于干季，湿季具有更高的温度和更充沛的降水，研究期间观测到的这种水热条件差异，为土壤微生物代谢活动提供了显著不同的环境背景。变形菌门对 CO_2 排放仍有直接正向效应，而酸杆菌门则表现出直接的负向效应。与肖博等[19]在热带森林中观察到的蚂蚁筑巢对特定微生物类群的筛选效应相似，这种拮抗调控模式与两个细菌门类的生态策略较为吻合：变形菌门多为富营养型，偏好较高养分的环境；酸杆菌门多为寡营养型，在养分富集和 pH 升高的条件下可能受到抑制[48−49]。蚂蚁筑巢还显著降低了放线菌门的相对丰度，该菌门虽与 CO_2 排放呈负向关联但未进入结构方程模型的核心路径，可能因其功能以间接途径为主。放线菌门通常更易降解复杂有机质，其代谢产物可能调控其他微生物类群的活性，且该菌门在湿季的“慢速周转”策略导致对即时 CO_2 排放的直接贡献不显著[48−49]。在湿季，细菌 α 多样性对 CO_2 排放通量具有较为明显的直接负效应。这与 Wu 等[60]关于细菌 α 多样性促进 CO_2 排放通量的观点不同，但类似于近年来在高寒生态系统中观察到的细菌多样性与土壤碳排放之间存在负相关的现象[61]。这一现象的内在机制可能在于：在湿季水热条件较为适宜的背景下，较高的微生物多样性可能伴随较高的功能冗余或种间竞争，从而在一定程度上抑制单位微生物生物量的有机碳分解效率[61]；而蚂蚁筑巢通过营造养分富集的微环境，可能筛选出变形菌门等高效功能类群，同时抑制酸杆菌门和部分稀有类群的生长，形成一种功能相对集中的群落结构[55]，从而在降低细菌多样性的同时可能增强土壤有机碳的矿化速率[22]。细菌群落组成对 CO_2 排放的影响同样具有差异化，细菌丰富度的增加意味着更多功能类群的参与，通常直接促进有机质分解[49]；而细菌多样性的升高则伴随更强的种间竞争和功能冗余，反而抑制单位生物量的分解效率[54−55]。在湿季，细菌丰富度的正向贡献超过了细菌多样性的负向制约，使得细菌 α 多样性整体上促进了 CO_2

排放。从路径来看，湿季蚂蚁筑巢对 CO_2 排放的间接驱动可能存在方向相反的两种作用。一方面，湿季蚂蚁筑巢可能通过降低土壤温度（或缓冲温度波动）影响细菌丰富度和多样性指数，这种温度变化可能通过降低微生物丰富度间接促进有机碳的分解[22]。另一方面，蚂蚁筑巢引起的土壤养分增加可能通过提升细菌丰富度和多样性指数间接抑制 CO_2 排放，形成一种类似“抵消效应”。这意味着蚂蚁筑巢虽然通过养分富集增加了微生物多样性，但这种多样性的增加可能反而削弱土壤有机碳的矿化速率，这在一定程度上体现了微生物群落结构与生态系统功能之间可能存在的非线性关系。类似的现象在土壤生态学研究中也有报道，即养分富集虽然能够刺激微生物生物量的增长，但也可能因群落结构向富营养型细菌这类特定功能类群集中而导致功能冗余增加，从而在一定程度上抑制单位微生物生物量的分解效率[10, 42]。

综合干湿两季的调控路径，蚂蚁筑巢对土壤 CO_2 排放的驱动机制具有明显的季节差异。干季，变形菌门是调控碳排放的核心功能类群，而细菌多样性因低温胁迫受到抑制，微生物群落功能趋于简化[47]；湿季的调控机制更为复杂，细菌优势门的正向驱动与细菌 α 多样性的负向抑制共同构成多元调控格局，其中较高的细菌 α 多样性可能通过增强功能冗余或种间竞争，反而抑制了碳排放[62]。此外，土壤含水量在干季负向影响土壤养分，在湿季则呈现正向影响，这种相反的调控方向可能与不同季节水热条件的耦合效应有关[63]。土壤容重作为两季共有的基础调控因子，其降低对碳排放的积极贡献相对稳定，可能反映了蚂蚁筑巢活动对土壤物理结构的改造具有持久性的生态效应。

4 结　　论

蚂蚁筑巢对纳帕海高寒湿地面山森林土壤 CO_2 排放具有显著影响。全年尺度上，蚂蚁筑巢显著促进土壤 CO_2 排放，且干季增幅（37.0%）高于湿季（22.0%）。结构方程模型表明，干季变形菌门相对丰度对 CO_2 排放具有直接的显著正向作用；湿季变形菌门和酸杆菌门相对丰度呈现直接显著的正向效应，而细菌 Chao1 和 Simpson 指数则表现出直接显著的负向效应。蚂蚁筑巢通过改变面山森林土壤容重、含水量、温度和养分等理化性质，进而调控土壤细菌群落组成及多样性，间接影响土壤 CO_2 排放的干湿季动态。

本研究结果揭示了蚂蚁筑巢通过介导土壤物理性质、养分环境及细菌群落变化对 CO_2 排放的直接和间接作用路径，阐明了蚂蚁筑巢对高寒湿地面山森林土壤 CO_2 排放的生物和非生物驱动机制。蚂蚁巢穴作为高寒森林中的生物地球化学“热点”，在区域碳收支核算中应被单独考虑。基于此，未来研究可将蚂蚁筑巢密度及其空间异质性纳入高寒生态系统碳模型，为高寒生态系统碳收支核算提供科学依据。然而，本研究仅针对单一蚁种，存在一定局限性。后续研究亟待结合稳定同位素核酸探针（DNA-SIP）技术标记活性微生物类群，以区分“活跃功能菌”的贡献，并开展多蚁种对比研究，深入解析蚁巢微生物代谢通路对碳排放的调控机制。

参　考　文　献

[1] 彭桂圆, 陈仕东, 熊德成, 等. 基于文献计量的增温实验对 CO_2 排放影响研究热点及展望 [J]. 亚热带资源与环境学报, 2026, 21(1): 12−20.
Peng G Y, Chen S D, Xiong D C, et al. Research hotspots and prospects of the impact of warming experiments on CO_2 emissions based on bibliometric analysis [J]. Journal of Subtropical Resources and Environment, 2026, 21(1): 12−20.

[2] Wu Q, Chen Y J, Huang C Q, et al. Carbon emission peaks in countries worldwide and their national drivers [J]. Carbon Research, 2025, 4(1): 28.

[3] Fu C C, Klein S G, Breavington J, et al. Nonuniform organic carbon stock loss in soils across disturbed blue carbon ecosystems [J]. Nature Communications, 2025, 16(1): 4370.

[4] Chen C, Delgado-Baquerizo M, Zhou G Y, et al. Multiple global change stressors boost soil greenhouse gas emissions worldwide [J]. Global Change Biology, 2026, 32(1): e70633.

[5] Wang Z G, Li X Y, Liu X, et al. Understanding the seasonal variation characteristics and patterns of CO_2 fluxes in lakes on the Qinghai-Tibet Plateau with different environmental gradients [J]. Journal of Hydrology, 2025, 661: 133779.

[6] Obermeier W A, Schwingshackl C, Ganzenmüller R, et al. Differences and uncertainties in land-use CO_2 flux estimates [J]. Nature Reviews Earth & Environment, 2025, 6(11): 747−766.

[7] Liu C, Parr C L, Guénard B, et al. Soil invertebrate body size groups and effect magnitude jointly influence global soil CO_2 emissions [J]. Global Change Biology, 2026, 32(2): e70770.

[8] 孙新, 李琪, 姚海凤, 等. 土壤动物与土壤健康 [J]. 土壤学报, 2021, 58(5): 1073−1083.
Sun X, Li Q, Yao H F, et al. Soil fauna and soil health [J]. Acta Pedologica Sinica, 2021, 58(5): 1073−1083.

[9] Liu Y R, Delgado-Baquerizo M, Wang J T, et al. New insights into the role of microbial community composition in driving soil respiration rates [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2018, 118: 35−41.

[10] Yue Y, Xu Z H, Wang Y J, et al. Soil-dwelling Naegleria enhances plant performance by stimulating beneficial bacterial

functions in the rhizosphere [J]. Nature Communications, 2025, 16: 9079.

[11] Ballantyne A, Bond-Lamberty B, Endsley A, et al. Evaluation of top-down and bottom-up global terrestrial respiration estimates and their mismatch with model simulations [J]. Global Biogeochemical Cycles, 2026, 40(3): e2025GB008544.

[12] 王瑶, 张利敏, 徐胜楠, 等. 帽儿山 3 种森林生态系统土壤动物与土壤呼吸及其相互关系研究 [J]. 生态学报, 2021, 41(1): 172−183.
Wang Y, Zhang L M, Xu S N, et al. Analysis on soil animals, soil respiration and the correlation in three forest ecosystems in Maoershan [J]. Acta Ecologica Sinica, 2021, 41(1): 172−183.

[13] Koehler B, Zehe E, Corre M D, et al. An inverse analysis reveals limitations of the soil-CO_2 profile method to calculate CO_2 production and efflux for well-structured soils [J]. Biogeosciences, 2010, 7(8): 2311−2325.

[14] Pêtal J. The influence of ants on carbon and nitrogen mineralization in drained fen soils [J]. Applied Soil Ecology, 1998, 9(1/3): 271−275.

[15] 王郑钧, 王邵军, 肖博, 等. 蚂蚁筑巢对热带橡胶人工林土壤甲烷排放季节动态的影响 [J]. 应用生态学报, 2024, 35(6): 1695−1704.
Wang Z J, Wang S J, Xiao B, et al. Effects of ant nesting on seasonal dynamics of soil CH_4 emissions in a tropical rubber-plantation forest [J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2024, 35(6): 1695−1704.

[16] 解玲玲, 王邵军, 肖博, 等. 蚂蚁巢穴对高檐蒲桃热带次生林土壤 CH_4 排放通量的影响 [J]. 应用生态学报, 2024, 35(3): 678−686.
Xie L L, Wang S J, Xiao B, et al. Effects of ant nests on soil CH_4 emissions from *Syzygium oblatum* communities of a secondary tropical forest [J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2024, 35(3): 678−686.

[17] 黄敏超, 陆梅, 纪柏帆, 等. 纳帕海面山森林土壤氮组分积累−分配特征对蚂蚁筑巢的响应 [J]. 四川农业大学学报, 2026, 44(1): 101−113.
Huang M C, Lu M, Ji B F, et al. Response of soil nitrogen accumulation and allocation characteristics to ant nesting in the forests of neighbouring mountains in Napahai Wetlands [J]. Journal of Sichuan Agricultural University, 2026, 44(1): 101−113.

[18] 闪昇阳, 陆梅, 李聪, 等. 蚂蚁筑巢对森林土壤氮库组分含量和分配的影响 [J]. 西部林业科学, 2024, 53(3): 144.
Shan S Y, Lu M, Li C, et al. The impact of ant nesting on concentration and allocation of soil nitrogen pool components in forest soils [J]. Journal of West China Forestry Science, 2024, 53(3): 144.

[19] 肖博, 王邵军, 解玲玲, 等. 蚂蚁筑巢定居活动对热带森林土壤氮库及组分分配的影响 [J]. 生态环境学报, 2023, 32(6): 1026−1036.
Xiao B, Wang S J, Xie L L, et al. Effect of ant nesting activity on soil nitrogen component allocation in the Xishuangbanna tropical forests [J]. Ecology and Environment Sciences, 2023, 32(6): 1026−1036.

[20] 张雪慧, 张仲胜, 武海涛. 蚂蚁扰动对土壤有机碳循环过程的影响研究进展 [J]. 应用生态学报, 2020, 31(12): 4301−4311.
Zhang X H, Zhang Z S, Wu H T. Effects of ant disturbance on soil organic carbon cycle: a review [J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2020, 31(12): 4301−4311.

[21] 陈闽昆, 王邵军, 陈武强, 等. 蚂蚁筑巢对西双版纳热带森林土壤微生物生物量碳及熵的影响 [J]. 应用生态学报, 2019, 30(9): 2973−2982.
Chen M K, Wang S J, Chen W Q, et al. Effects of ant nesting on soil microbial biomass carbon and quotient in tropical forest of Xishuangbanna [J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2019, 30(9): 2973−2982.

[22] 刘攀, 陆梅, 吕晶花, 等. 蚂蚁筑巢对纳帕海面山土壤碳积累及分配的影响 [J]. 北京林业大学学报, 2024, 46(5): 114−125.
Liu P, Lu M, Lü J H, et al. Effects of ant colonization on carbon accumulation and distribution in the forests of neighbouring mountains in the Napahai Wetlands, Yunnan Province of southwestern China [J]. Journal of Beijing Forestry University, 2024, 46(5): 114−125.

[23] Wu D H, Du E Z, Eisenhauer N, et al. Global engineering effects of soil invertebrates on ecosystem functions [J]. Nature, 2025, 640: 1−10.

[24] 张烨, 王邵军, 殷铭, 等. 蚂蚁筑巢对高檐蒲桃热带次生林土壤甲烷氧化动态的影响 [J]. 应用生态学报, 2025, 36(7): 2192−2200.
Zhang Y, Wang S J, Yin M, et al. Impact of ant nesting on soil methane oxidation dynamics in a tropical secondary forest of *Syzygium oblatum* [J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2025, 36(7): 2192−2200.

[25] Zhang X H, Zhang Z S, Xin Y, et al. Effects of ant mounds construction on the carbon cycle in a drained peatland, Northeast China [J]. Catena, 2024, 243: 108191.

[26] 田昆. 云南纳帕海高原湿地土壤退化过程及驱动机制 [D]. 长春: 中国科学院东北地理与农业生态研究所, 2004.
Tian K. Mechanism and process of soil degradation in Napahaiwetland on Yunnan Plateau[D]. Changchun: Northeast Institute of Geography of Agroecology, Chinese Academy of Sciences, 2004.

[27] 孙煜佳, 陆梅, 赵旭燕, 等. 纳帕海高寒退化草甸土壤细菌群落结构对氮添加的响应 [J]. 生态环境学报, 2025, 34(2): 233−246.
Sun Y J, Lu M, Zhao X Y, et al. Response of soil bacterial community structure to nitrogen addition in degraded Napahai Alpine Meadow [J]. Ecology and Environment Sciences, 2025, 34(2): 233−246.

[28] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法 [M]. 北京: 中国农业科技出版

社, 2000.
Lu R K. Soil agrochemical analysis methods [M]. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 2000.

[29] 陆梅. 纳帕海湿地退化对土壤微生物群落结构及多样性的影响 [D]. 北京: 北京林业大学, 2018.
Lu M. Effects of wetlands degradation on structure and biodiversity of soil microbial community in Napahai Plateau Wetlands [D]. Beijing: Beijing Forestry University, 2018.

[30] Hair J F, Risher J J, Sarstedt M, et al. When to use and how to report the results of PLS-SEM [J]. European Business Review, 2019, 31(1): 2−24.

[31] Medina N, Schmitt L, Perfecto I, et al. Crown-to-ground: above- and below-ground links mediated by arboreal ants and host tree modify soil aggregation scaling, infiltration, and chemistry [J]. Applied Soil Ecology, 2026, 220: 106828.

[32] 赵一军, 赵敏, 毛文娅, 等. 蚂蚁对草地动植物及土壤作用的研究进展 [J]. 云南农业大学学报 (自然科学), 2019, 34(5): 889−895.
Zhao Y J, Zhao M, Mao W Y, et al. Review on the effects of ants on animals, plants and soil in grasslands [J]. Journal of Yunnan Agricultural University (Natural Science), 2019, 34(5): 889−895.

[33] 刘任涛. 干旱半干旱区蚂蚁的生态功能综述 [J]. 中国沙漠, 2024, 44(3): 213−221.
Liu R T. A review on the ecological functions of ants in arid and semi-arid regions [J]. Journal of Desert Research, 2024, 44(3): 213−221.

[34] Mii T, Seungyun B, Kahoko T, et al. Conditions affecting ant nesting in stumps in a temperate coniferous planted forest [J]. Forest Ecology and Management, 2023, 537: 120976.

[35] Wang S, Li J, Zhang Z, et al. The contributions of underground-nesting ants to CO_2 emission from tropical forest soils vary with species [J]. Science of the Total Environment, 2018, 630: 1095−1102.

[36] 李霁航, 王邵军, 王红, 等. 蚂蚁筑巢对高檐蒲桃热带森林群落土壤呼吸的影响 [J]. 生态学报, 2018, 38(17): 6033−6042.
Li J H, Wang S J, Wang H, et al. Effect of ant nesting on soil respiration in a tropical forest of *Syzygium oblatum* community [J]. Acta Ecologica Sinica, 2018, 38(17): 6033−6042.

[37] Wang M, Fan L, Zamanian K, et al. A meta-analysis of ant-mediated effects on soil carbon cycling and organic matter stability [J]. Nature Communications, 2026, 17: 6060.

[38] Wang L, Liao D, Rengel Z, et al. Soil-plant-microbe interactions in the rhizosphere: Incremental amplification induced by localized fertilization [J]. Engineering Agriculture, 2025, 12(1): 57−68.

[39] Ge Z, Gao K, Liu X, et al. Freeze-thaw cycles enhance dust emission from soil aggregates [J]. Geoderma, 2025, 464: 117593.

[40] 张茜, 黄亚东, 贾燕锋, 等. 冻融对机械压实土壤团聚体稳定性的影响 [J]. 中国水土保持科学, 2025, 23(5): 37−46.
Zhang X, Huang Y D, Jia Y F, et al. Effect of freeze-thaw on the stability of aggregates in mechanically compacted soil [J]. Science of Soil and Water Conservation, 2025, 23(5): 37−46.

[41] 孔亚丽, 秦华, 朱春权, 等. 土壤微生物影响土壤健康的作用机制研究进展 [J]. 土壤学报, 2024, 61(2): 331−347.
Kong Y L, Qin H, Zhu C Q, et al. Research progress on the mechanism by which soil microorganisms affect soil health [J]. Acta Pedologica Sinica, 2024, 61(2): 331−347.

[42] 肖健, 孙妍, 陈思宇, 等. 南方果园蚁巢土壤微生物群落结构特征分析 [J]. 南方农业学报, 2021, 52(6): 1604−1614.
Xiao J, Sun Y, Chen S Y, et al. Analysis of soil microbial community structure characteristics in ant nests of southern orchards [J]. Journal of Southern Agriculture, 2021, 52(6): 1604−1614.

[43] Zhang M, Wang W, Tang L, et al. Impacts of prescribed burning on urban forest soil: minor changes in net greenhouse gas emissions despite evident alterations of microbial community structures [J]. Applied Soil Ecology, 2021, 158: 103780.

[44] 李文韬, 胡尊英, 张昆, 等. 土地利用方式对纳帕海湿地土壤碳氮储量的影响 [J]. 生态学杂志, 2024, 43(6): 1720−1727.
Li W T, Hu Z Y, Zhang K, et al. Effects of land-use types on soil carbon and nitrogen stocks in the Napahai Wetlands [J]. Chinese Journal of Ecology, 2024, 43(6): 1720−1727.

[45] 刘荣臻, 刘佩伶, 鲁显楷. 南亚热带典型森林土壤可交换性阳离子的垂直分布格局 [J]. 南京林业大学学报 (自然科学版), 2026, 50(1): 104−111.
Liu R Z, Liu P L, Lu X K. The vertical distribution patterns of soil exchangeable cations in typical southern subtropical forests of China [J]. Journal of Nanjing Forestry University (Natural Sciences Edition), 2026, 50(1): 104−111.

[46] Zhao L, Pang B, Hong J, et al. Changes in soil pH on the Tibetan Plateau from the 1980s to 2020s [J]. Geoderma, 2025, 459: 117393.

[47] 李彪, 熊忠平, 徐正会, 等. 雅鲁藏布河谷上游及青藏高原西南坡蚂蚁物种多样性 [J]. 福建农林大学学报 (自然科学版), 2022, 51(2): 267−274.
Li B, Xiong Z P, Xu Z H, et al. Ant species diversity of upper Yarlung Zangbo Valley and southwest slope of Qinghai-Tibet Plateau, China [J]. Journal of Fujian Agriculture and Forestry University (Natural Science Edition), 2022, 51(2): 267−274.

[48] Zhao J, Xie X, Jiang Y, et al. Effects of simulated warming on soil microbial community diversity and composition across diverse ecosystems [J]. Science of the Total Environment, 2024, 911: 168793.

[49] Fierer N, Bradford M A, Jackson R B. Toward an ecological classification of soil bacteria [J]. Ecology, 2007, 88(6): 1354−1364.

[50] Liu J, Peng Z, Tu H, et al. Oligotrophic microbes are recruited to resist multiple global change factors in agricultural subsoils [J]. Environment International, 2024, 183: 108429.

[51] Jiao Y, Yang S, Bao W. Biogeographic patterns and community assembly mechanisms of bacterial community in the upper seawater of seamounts and non-seamounts in the Eastern Indian Ocean [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2024, 90(9): e0142424.

[52] 张亚萍, 吴檬宇, 周昌敏, 等. 长期秸秆还田对南方稻田土壤细菌性病害群落多样性的影响 [J]. 华南农业大学学报, 2026, 47(2): 284−297.
Zhang Y P, Wu M Y, Zhou C M, et al. Effects of long-term straw returning on the diversity of soil bacterial disease communities in southern paddy fields [J]. Journal of South China Agricultural University, 2026, 47(2): 284−297.

[53] Yan Y, Zhou X, Liu L, et al. Soil nutrient enrichment induces trade-offs in bacterial life-history strategies promoting plant productivity [J]. Advanced Science, 2025, 12(35): 2510066.

[54] Frossard A, Pushkareva E, Hotter V, et al. Seasonality of microbial functional potentials and community diversity in high-Arctic tundra soils [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2026, 217: 110138.

[55] Wang Y, Wang Z, Liu Y. Assembly processes, ecological strategies, and functional potentials of abundant and rare microbial taxa in biological soil crusts from two habitats in arid ecosystems [J]. European Journal of Soil Biology, 2025, 127: 103786.

[56] Doherty S J, Thurston A K, Barbato R A. Active layer and permafrost microbial community coalescence increases soil activity and diversity in mixed communities compared to permafrost alone [J]. Frontiers in Microbiology, 2025, 16: 1579156.

[57] 党建毓, 麻小见, 杨馨逸, 等. 土壤微生物碳利用效率对气候变化响应的研究进展 [J]. 应用生态学报, 2026, 37(2): 609−621.
Dang J Y, Ma X J, Yang X Y, et al. Research advances in soil microbial carbon use efficiency in response to climate change [J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2026, 37(2): 609−621.

[58] Sveen T R, Viketoft M, Bengtsson J, et al. Functional diversity of soil microbial communities increases with ecosystem development [J]. Nature Communications, 2025, 16(1): 10408.

[59] Kang L, Song Y, Mackelprang R, et al. Metagenomic insights into microbial community structure and metabolism in alpine permafrost on the Tibetan Plateau [J]. Nature Communications, 2024, 15(1): 5920.

[60] Wu H W, Cui H L, Fu C X, et al. Unveiling the crucial role of soil microorganisms in carbon cycling: a review [J]. Science of the Total Environment, 2023, 909: 168627.

[61] Chen X L, Chen H Y. Plant diversity loss reduces soil respiration across terrestrial ecosystems [J]. Global Change Biology, 2019, 25(4): 1482−1492.

[62] Mo X, Shi S, Chen Y, et al. Bacterial regulatory strategies for ecological function and stability of plant-soil continuums under hydrological variability [J]. Catena, 2026, 263: 109714.

[63] Lu H X, Wang Z, Liu W G, et al. Delayed Holocene thermal maximum facilitated increased meltwater during the Mid-to-Late Holocene transition on the Tibetan Plateau [J]. Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology, 2026, 689: 113654.

（责任编辑　范　娟
责任编委　刘世荣）